

斑翅草螽线粒体基因组序列测定与分析

周志军, 尚娜, 黄原, 石福明, 韦仕珍

Sequencing and analysis of the mitochondrial genome of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Conocephalinae)

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: [PDF \(999 KB\)](#) | [HTML \(1 KB\)](#) | 输出: [BibTeX](#) | [EndNote \(RIS\)](#) | [背景资料](#)

摘要 已经测定的昆虫线粒体基因组中, 直翅目草螽亚科的疑钩额螽 *Ruspolia dubia* 线粒体控制区长度最短, 仅70 bp。为此, 本研究采用L-PCR结合二次PCR扩增策略对另一种草螽亚科昆虫斑翅草螽 *Conocephalus maculatus* 线粒体基因组序列进行了测定。序列注释发现: 斑翅草螽线粒体基因组序列全长15 898 bp, A+T含量为72.05%, 基因排列与典型的节肢动物线粒体基因组一致。全部蛋白质编码基因以典型的ATN作为起始密码子, 9个蛋白质编码基因具有完整的终止密码子, 其余4个以不完整的T作为终止信号。除 *trnS^{AGN}* 外, 其余21个tRNAs均可折叠形成典型的三叶草结构, 依照Steinberg等(1997)线粒体特殊tRNA结构类型-9, *trnS^{AGN}* 的DHU臂形成一个7 nt环, 反密码子臂则长达9 bp, 含1个突起碱基, 而不是正常的5 bp。斑翅草螽与其他直翅目昆虫线粒体基因组的主要区别在于, 在 *trnS^{UCN}* 和 *nad1*, *nad1* 和 *trnL^{CUN}* 基因间各存在一段罕见的、大段的基因间隔序列, 长度分别为78 bp和360 bp。其中, 位于 *nad1* 和 *trnL^{CUN}* 之间的基因间隔序列N链可形成一个包含完整起始、终止密码子(ATT/TAA)、编码103个氨基酸的未知开放阅读框。同义密码子使用偏好与线粒体基因组编码的tRNA反密码子匹配情况无关, 但与密码子第3位点的碱基组成紧密相关; 相对密码子使用频率(relative synonymous codon usage, RSCU)大于1的密码子, 其第3位点全部是A或T。在已经测定的直翅目昆虫线粒体基因组tRNAs中, 均存在一定数量的碱基错配, 且以G-U弱配对为主, 表明G-U配对在线粒体基因组中可能是一种正常的碱基配对形式。本研究测定的斑翅草螽线粒体基因组序列, 和先前已经测定的直翅目线粒体基因组序列一起, 可以为重建直翅目的进化历史提供数据资源。

关键词: 斑翅草螽 线粒体基因组 序列分析 基因间隔序列 相对密码子使用频率

Abstract: The mitochondrial genome (mitogenome) of *Ruspolia dubia* (Orthoptera: Conocephalinae) contains a short control region with 70 bp in length. So, the mitogenome of *Conocephalus maculatus* come from Conocephalinae was sequenced by using long-PCR and sub-PCR techniques. The mitogenome of *C. maculatus* is 15 898 bp in size, its A+T content is 72.05% and the genome organization follows the ancestral insect gene arrangement. All protein-coding genes (PCGs) start with a typical ATN codon, while nine of the 13 PCGs end with TAA or TAG, and the remainder have incomplete termination codons T. Except for *trnS^{AGN}*, all 21 tRNAs have the typical clover-leaf structures. According to the unusual Type-9 of Steinberg *et al.* (1997), the DHU arm of *trnS^{AGN}* forms a simple 7-nt loop and the anticodon stem has nine base-pairs with a bulged nucleotide in the middle in contrast to the normal five base-pairs. The main differences between *C. maculatus* and other orthopteran mitogenomes was that two novel larger intergenic spacers (78 bp and 360 bp) between *trnS^{UCN}* and *nad1*, *nad1* and *trnL^{CUN}*, respectively. The intergenic spacer between *nad1* and *trnL^{CUN}* has been labeled unidentified open reading frame (UORF) because N strand comprises an open reading frame (103 amino acids) complete with start and termination codons (ATT/TAA). The usage of synonymous codon markedly is correlated with the nucleotide at the 3rd codon position, but has no relation to the anticodon of mitogenome tRNA. Generally, for all codons with their relative synonymous codon usage (RSCU) more than 1, the 3rd codon positions are A or T. Noncanonical matches of G-U base pairs accounts for the overwhelming majority of total unmatched base pairs in the orthopteran mitogenome tRNAs. The results suggest that the G-U may be one cognitive base pairing in mitogenome. The *C. maculatus* mitogenome sequences, as well as the previously determined orthopteran mitogenomes, provide sequence source to reconstruct Orthoptera evolutionary history.

Key words: *Conocephalus maculatus* mitochondrial genome sequence analysis intergenic spacer relative synonymous codon usage (RSCU)

收稿日期: 2010-12-28; 出版日期: 2011-05-20

服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 周志军
- ▶ 尚娜
- ▶ 黄原
- ▶ 石福明
- ▶ 韦仕珍

基金资助:

国家自然科学基金项目(30970346); 教育部高等学校博士学科点专项科研基金项目(20101301120006); 广西高校优秀人才资助计划(RC2007034)

通讯作者: 黄原 E-mail: yuanh@snnu.edu.cn

作者简介: 周志军, 男, 1980年生, 山西长治人, 博士, 讲师, 研究方向为直翅目分子进化与系统发育, E-mail: zhijunzhou@163.com

引用本文:

周志军, 尚娜, 黄原等. 斑翅草螽线粒体基因组序列测定与分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 548-554.

ZHOU Zhi-Jun, SHANG Na, HUANG Yuan et al. Sequencing and analysis of the mitochondrial genome of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Conocephalinae)[J]. ACTA ENTOMOLOGICA SINICA, 2011, 54(5): 548-554.

链接本文:

<http://www.insect.org.cn/CN/> 或 <http://www.insect.org.cn/CN/Y2011/V54/I5/548>

没有本文参考文献

- [1] 邹朗云, 曹广春, 张谦, 张彦, 梁革梅, 吴孔明, 郭予元. 棉铃虫中肠cDNA文库的构建及EST分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 739-745.
- [2] 钟金凤, 曹广力, 薛仁宇, 贡成良. 家蚕Aly/REF的基因克隆、序列分析及其细胞定位[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 746-753.
- [3] 陈永, 龚亮, 左洪亮, 钟国华. 斜纹夜蛾线粒体复合物III Fe-S蛋白基因克隆、序列分析及在不同发育阶段的表达特征[J]. 昆虫学报, 2011, 54(7): 762-768.
- [4] 李珣, 刘晶晶, 龚亮, 陈永, 钟国华. 小菜蛾气味受体蛋白PlxyOr83b基因的克隆及表达[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 502-507.
- [5] 夏靖, 胡静, 朱国萍, 朱朝东, 郝家胜. 大卫绢蚬蝶线粒体基因组全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2011, 54(5): 555-565.
- [6] 秦峰, 付文博, 周善义. 基于CO I和Cyt b基因序列的风蝶科六属分子系统学研究[J]. 昆虫学报, 2011, 54(3): 339-351.
- [7] 李红亮, 倪翠侠, 姚瑞, 高其康, 商晗武. 中华蜜蜂化学感受蛋白基因Acer-CSP1克隆与表达特征分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(9): 962-968.
- [8] 黄原, 刘念, 卢慧莹. 直翅目昆虫线粒体基因组研究进展[J]. 昆虫学报, 2010, 53(5): 581-586.
- [9] 冯从经, 郭晓丽, 翟会峰. 亚洲玉米螟幼虫体内酚氧化酶原激活蛋白酶cDNA片段的克隆与序列分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(12): 1404-1409.
- [10] 陈淑娟, 贺艳, 蒋明星, 程家安. 感染稻水象甲的Wolbachia基因组中插入序列的鉴定与分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(12): 1410-1418.
- [11] 曾媛琴, 徐康隆, 邹勇, 张金叶, 张春冬, 杜文华, 隆耀航, 米智, 朱勇. 家蚕细胞色素P450基因Bmcp6u1的克隆、序列分析与表达谱[J]. 昆虫学报, 2010, 53(11): 1195-1201.
- [12] 毛增辉, 郝家胜, 朱国萍, 胡静, 司曼曼, 朱朝东. 菜粉蝶线粒体基因组的全序列测定和分析[J]. 昆虫学报, 2010, 53(11): 1295-1304.
- [13] 余泉友, 房守敏, 左伟东, 张泽, 鲁成. 家蚕谷胱甘肽-S-转移酶基因BmGSTz1的克隆、序列分析及组织表达特征[J]. 昆虫学报, 2010, 53(10): 1061-1068.
- [14] 翟会芳, 江幸福, 罗礼智. 甜菜夜蛾HSP90基因克隆及高温胁迫下其表达量的变化[J]. 昆虫学报, 2010, 53(1): 20-28.
- [15] 黄水金, 秦文婧, 陈琼. 斜纹夜蛾羧酸酯酶基因的克隆、序列分析及表达水平[J]. 昆虫学报, 2010, 53(1): 29-37.

版权所有 © 2010 《昆虫学报》编辑部

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院5号中国科学院动物研究所 邮编: 100101

电话: 010-64807173 传真: 010-64807099 E-mail: kcxb@ioz.ac.cn 网址: <http://www.insect.org.cn>

本系统由北京玛格泰克科技发展有限公司设计开发 技术支持: support@magtech.com.cn

京ICP备05064604号